

	100		105		110
Tyr Thr Val Glu Arg Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr	115		120		125
Glu Glu Gly Ile Leu Val Phe Gly Ala Thr Arg Gly Asp Gly Glu Thr	130		135		140
Gly Glu Glu Val Thr Gln Asn Leu Leu Thr Ile Pro Thr Ile Pro Arg	145		150		155
Arg Leu Thr Gly Val Pro Asp Arg Leu Glu Val Arg Gly Glu Val Tyr	165		170		175
Met Pro Ile Glu Ala Phe Leu Arg Leu Asn Gln Glu Leu Glu Glu Ala	180		185		190
Gly Glu Arg Ile Phe Lys Asn Pro Arg Asn Ala Ala Ala Gly Ser Leu	195		200		205
Arg Gln Lys Asp Pro Arg Val Thr Ala Arg Arg Gly Leu Arg Ala Thr	210		215		220
Phe Tyr Ala Leu Gly Leu Gly Leu Glu Glu Thr Gly Leu Lys Ser Gln	225		230		235
His Asp Leu Leu Leu Trp Leu Arg Glu Arg Gly Phe Pro Val Glu His	245		250		255
Gly Phe Thr Arg Ala Leu Gly Ala Glu Gly Val Glu Glu Val Tyr Gln	260		265		270
Ala Trp Leu Lys Glu Arg Arg Lys Leu Pro Phe Glu Ala Asp Gly Val	275		280		285
Val Val Lys Leu Asp Asp Leu Ala Leu Trp Arg Glu Leu Gly Tyr Thr	290		295		300
Ala Arg Thr Pro Arg Phe Ala Leu Ala Tyr Lys Phe Pro Ala Glu Glu	305		310		315
Lys Glu Thr Arg Leu Leu Ser Val Ala Phe Gln Val Gly Arg Thr Gly	325		330		335
Arg Ile Thr Pro Val Gly Val Leu Glu Pro Val Phe Ile Glu Gly Ser	340		345		350
Glu Val Ser Arg Val Thr Leu His Asn Glu Ser Phe Ile Glu Glu Leu					

355	360	365
Asp Val Arg Ile Gly Asp Trp Val Leu Val His Lys Ala Gly Gly Val		
370	375	380
Ile Pro Glu Val Leu Arg Val Leu Lys Glu Arg Arg Thr Gly Glu Glu		
385	390	395 400
Lys Pro Ile Ile Trp Pro Glu Asn Cys Pro Glu Cys Gly His Ala Leu		
405	410	415
Ile Lys Glu Gly Lys Val His Arg Cys Pro Asn Pro Leu Cys Pro Ala		
420	425	430
Lys Arg Phe Glu Ala Ile Arg His Tyr Ala Ser Arg Lys Ala Met Asp		
435	440	445
Ile Gln Gly Leu Gly Glu Lys Leu Ile Glu Lys Leu Leu Glu Lys Gly		
450	455	460
Leu Val Arg Asp Val Ala Asp Leu Tyr Arg Leu Lys Lys Glu Asp Leu		
465	470	475 480
Val Asn Leu Glu Arg Met Gly Glu Lys Ser Ala Glu Asn Leu Leu Arg		
485	490	495
Gln Ile Glu Glu Ser Lys Gly Arg Gly Leu Glu Arg Leu Leu Tyr Ala		
500	505	510
Leu Gly Leu Pro Gly Val Gly Glu Val Leu Ala Arg Asn Leu Ala Leu		
515	520	525
Arg Phe Gly His Met Asp Arg Leu Leu Glu Ala Gly Leu Glu Asp Leu		
530	535	540
Leu Glu Val Glu Gly Val Gly Glu Leu Thr Ala Arg Ala Ile Leu Asn		
545	550	555 560
Thr Leu Lys Asp Pro Glu Phe Arg Asp Leu Val Arg Arg Leu Lys Glu		
565	570	575
Ala Gly Val Glu Met Glu Ala Lys Glu Arg Glu Gly Glu Ala Leu Lys		
580	585	590
Gly Leu Thr Phe Val Ile Thr Gly Glu Leu Ser Arg Pro Arg Glu Glu		
595	600	605
Val Lys Ala Leu Leu Arg Arg Leu Gly Ala Lys Val Thr Asp Ser Val		

610	615	620
Ser Arg Lys Thr Ser Phe Leu Val Val Gly Glu Asn Pro Gly Ser Lys		
625	630	635 640
Leu Glu Lys Ala Arg Ala Leu Gly Val Pro Thr Leu Ser Glu Glu Glu		
645	650	655
Leu Tyr Arg Leu Ile Glu Glu Arg Thr Gly Lys Asp Pro Arg Ala Leu		
660	665	670

Thr Ala

<210> 2
 <211> 2025
 <212> DNA
 <213> Thermus sp.

<400> 2

atgaccctag	aggaggcccg	caggcgcgctc	aacgaactca	gggacctgat	ccgttaccac	60
aactacctct	attacgtctt	ggacgcccc	gagatctccg	acgccgagta	cgaccggctc	120
cttagggagc	ttaaggagct	ggaggagcgc	tttcccagagc	tcaaaagccc	cgactcccc	180
acggaacagg	tgggggagag	gcctctggag	gccaccttcc	gcccgggtgcg	ccaccccacc	240
cgcatgtact	ccctggacaa	cgctttttcc	ttggacgagg	tgagggcctt	tgaggagcgc	300
atagagcggg	ccctggggcg	gaagggggccc	ttcctctaca	ccgtggagcg	caaggtggac	360
ggtctttccg	tgaacctcta	ctacgaggag	ggcatcctcg	tctttggggc	caccgggggc	420
gacggggaga	ccggggagga	ggtgacccag	aacctcctca	ccatccccac	cattccccgc	480
cgcttcacgg	gcgttccgga	ccgcctcgag	gtccggggcg	aggtctacat	gcccatagag	540
gccttcctca	ggctcaacca	ggagctggag	gaggcggggg	agcgcatctt	caaaaacccc	600
aggaacgccg	ccgccgggtc	cttgccgcag	aaagacccca	gggtcacggc	caggcggggc	660
ctgagggccca	ccttttacgc	cctggggctg	ggcctggagg	aaaccgggtt	aaaaagccag	720
cacgaccttc	tcctatggct	aagagagcgg	ggctttcccg	tggagcacgg	ctttaccggg	780
gccctggggg	cggagggggg	ggaggagggtc	taccaggcct	ggctcaagga	gaggcggaag	840
cttccctttg	aggccgacgg	ggtgggtggtc	aagctggacg	acctcgccct	ctggcgggag	900
ctgggggtaca	ccgcccgcac	cccccgcttc	gccctcgcct	acaagttccc	ggccgaggag	960
aaggagacct	gcctcctctc	cgtggccttc	caggtggggc	ggaccgggcg	catcaccccc	1020
gtgggcgttc	tggagcccg	cttcatagag	ggcagcgagg	tgagccgggt	caccctccac	1080
aacgagagct	tcattgagga	gctggacgtg	cgcatcggcg	actgggtgct	ggtccacaag	1140
gcgggcgggg	tgattcccga	ggtgctgagg	gtcctgaaag	agcgccgcac	cggggaggag	1200
aagcccatca	tctggcccga	gaactgcccc	gagtgcggcc	acgccctcat	caaggagggg	1260
aaggtccacc	gctgcccaca	ccccttggtc	cccgccaagc	gctttgaggc	catccgccac	1320
tacgcctccc	gcaaggccat	ggacatccag	ggcctggggg	agaagctcat	agaaaagctt	1380
ctggaaaagg	gcctggtccg	ggacgtggcc	gacctctacc	gcctgaagaa	ggaggacctg	1440
gtgaacctgg	agcgcatggg	ggagaagagc	gcagagaacc	tcctccgcca	gatagaggag	1500
agcaagggcc	gcggcctgga	gcgcctcctt	tacgccctgg	gccttcccg	ggtgggggag	1560
gtgctggccc	ggaacctggc	cctccgcttc	ggccacatgg	accgccttct	ggaggcgggc	1620

```

ctcgaggacc tcctggaggt ggagggggtg ggcgagctca ccgcccgggc catcctgaat 1680
accctaaagg acccgaggtt ccgggacctg gtgcgccgcc tgaaggaggc cggggtggag 1740
atggaggcca aagagcggga gggcgaggcc ttgaaggggc tcaccttcgt catcaccggg 1800
gagctttccc ggccccggga ggaggtgaag gccctcctta ggcggcttgg ggccaagggtg 1860
acggactcgg tgagccgcaa gacgagcttc ctggtggtgg gggagaaccc ggggagcaag 1920
ctggaaaagg cccgcgcctt gggggtcccc accctgagcg aggaggagct ctaccgcctc 1980
attgaggaga ggacgggcaa ggaccaag ggcctcacgg cctag 2025

```

<210> 3

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or primer

<220>

<221> tRNA

<222> (4)

<223> w at position 4 can be T or A

<220>

<221> unsure

<222> (5)

<223> s at position 5 can be C or G

<220>

<221> unsure

<222> (12)

<223> s at position 12 can be C or G

<220>

<221> unsure

<222> (15)

<223> r at position 15 can be G or A

<220>

<221> unsure

<222> (18)

<223> y at position 18 can be T or C

<400> 3

atcwscgacg csgartayga

20

<210> 4

<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 4

Ile Ser Asp Ala Glu Tyr Asp
1 5

<210> 5

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<220>

<221> unsure

<222> (3)

<223> s at position 3 can be C or G

<220>

<221> unsure

<222> (6)

<223> s at position 6 can be C or G

<220>

<221> unsure

<222> (8)

<223> k at position 8 can be G or T

<220>

<221> unsure

<222> (9)

<223> s at position 9 can be G or C

<220>

<221> unsure

<222> (12)

<223> s at position 12 can be G or C

<220>

<221> unsure
<222> (15)
<223> y at position 15 can be C or T

<220>
<221> unsure
<222> (18)
<223> r at position 18 can be A or G

<400> 5
ccsgtscksc csacytgraa

20

<210> 6
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<220>
<221> unsure
<222> (9)
<223> v at position 9 can be C, G, or A

<220>
<221> unsure
<222> (11)
<223> r at position 11 can be A or G

<220>
<221> unsure
<222> (12)
<223> y at position 12 can be T or C

<220>
<221> unsure
<222> (16)
<223> s at position 16 is C or G

<220>
<221> unsure
<222> (17)
<223> w at position 17 can be A or T

<220>

<221> unsure
<222> (18)
<223> s at position 18 can be G or C

<400> 6
gccttctcva ryttgswscc

20

<210> 7
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 7
Phe Gln Val Gly Arg Thr Gly
1 5

<210> 8
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 8
Gly Ser Lys Leu Glu Lys Ala
1 5

<210> 9
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 9
gcgatttcat atgaccctag aggaggcccg

30

<210> 10
<211> 29
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 10
gcgggatccg aggccttgga gaagctctt

29

<210> 11
<211> 33
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 11
aaaaccctgt tccagcgtct gcggtgttgc gtc

33

<210> 12
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 12
agttgtcata gtttgatcct ctagtctggg

30

<210> 13
<211> 29
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 13
ccctgttcca gcgtctgcgg tggtgcgtt

29

<210> 14
<211> 59
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 14
gggacaaggt cgcagacgcc acaacgcagt caacagtatc aaactaggag atcagaccc 59

<210> 15
<211> 184
<212> PRT
<213> Thermus aquaticus

<400> 15
Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
1 5 10 15
Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
50 55 60
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65 70 75 80
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
85 90 95
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
100 105 110
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Glu Glu Thr Gly Xaa Xaa Xaa
115 120 125

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 130 135 140
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 145 150 155 160
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Phe Glu Ala
 165 170 175
 Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp
 180

<210> 16
 <211> 187
 <212> PRT
 <213> Thermus flavus

<400> 16
 Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
 1 5 10 15
 Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 20 25 30
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 35 40 45
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 50 55 60
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 65 70 75 80
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 85 90 95
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 100 105 110
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Glu Glu Val Glu Arg Glu Gly
 115 120 125
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 130 135 140
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 145 150 155 160

180

<210> 18

<211> 184

<212> PRT

<213> *Thermus filiformis*

<400> 18

Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
1 5 10 15

Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
85 90 95

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
100 105 110

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Glu Glu Ser Gly Xaa Xaa Xaa
115 120 125

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
130 135 140

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
145 150 155 160

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Phe Glu Ala
165 170 175

Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp
180

<210> 19

<211> 184

<212> PRT
 <213> Thermus sp.

<400> 19

Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
 1 5 10 15

Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 85 90 95

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 100 105 110

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 115 120 125

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 130 135 140

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 145 150 155 160

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 165 170 175

Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp
 180

<210> 20
 <211> 184
 <212> PRT
 <213> Thermus sp.

<400> 20

Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr

1	5	10	15
Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
	20	25	30
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
	35	40	45
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
	50	55	60
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
65	70	75	80
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
	85	90	95
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
	100	105	110
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Glu Glu Ser Gly Xaa Xaa Xaa			
	115	120	125
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
	130	135	140
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
145	150	155	160
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Phe Glu Ala			
	165	170	175
Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp			
	180		